副溶血性弧菌 16S rRNA 基因序列变异规律分析

冯 博[1,2,3]，蓝 英[1,2,3]，孙晓红[1,2,3]，张炜佳[1,2,3]，潘迎捷[1,2,3]，赵 勇[*1,2,3]

（1. 上海海洋大学 食品学院，上海 201306；2. 上海水产品加工贮藏工程技术研究中心，上海 201306；3. 农业部水产品贮藏保鲜质量安全风险评估实验室（上海），上海 201306）

摘要：通过对副溶血性弧菌 16S rRNA 基因序列进行深度分析，研究其序列变异特点，为开发新的分型溯源靶点奠定基础。对 111 株分离自生鲜水产品的副溶血性弧菌 16S rRNA 基因测序，与 GenBank 中已有的副溶血性弧菌 16S rRNA 基因标准序列比对分析，对变异度比较大的序列建立了系统发育树，深入分析了基因的变异规律，并使用 ERIC-PCR 方法加以验证。不同副溶血性弧菌菌株 16S rRNA 基因变异主要集中在可变区 V1 和 V2 区，50~270 bp 的区域内有 38 个碱基的相似度小于 30%，103 个碱基的相似度在 30%~100%。另外，在 V3 区和 V8 区也各有 1 个碱基有比较明显的差异。副溶血性弧菌 16S rRNA 基因序列具有一定的变异性，该结果为副溶血性弧菌菌株分型溯源分析提供新的靶点奠定研究基础，同时为其微进化研究奠定理论基础。

关键词：副溶血性弧菌；16S rRNA 基因序列；ERIC-PCR 聚类分析；变异规律分析

中图分类号：TQ 920.6　**文献标志码**：A　**文章编号**：1673—1689(2016)09—0928—07

Sequence Variation Regularity Analysis of 16S rRNA Gene of *Vibrio parahaemolyticus*

FENG Bo[1,2,3]，*LAN Ying*[1,2,3]，*SUN Xiaohong*[1,2,3]，*ZHANG Weijia*[1,2,3]，*PAN Yingjie*[1,2,3]，*ZHAO Yong*[*1,2,3]

（1. College of Food Science and Technology，Shanghai Ocean University，Shanghai 201306，China；2. Shanghai Engineering Research Center of Aquatic-Product Processing & Preservation，Shanghai 201306，China；3. Laboratory of Quality & Safety Risk Assessment for Aquatic-Products on Storage and Preservation（Shanghai），Ministry of Agriculture，Shanghai 201306，China）

Abstract：In order to lay a foundation for the development of new targets for typing and tracing，we investigated the characteristics of the variations based on the analysis of 16S rRNA gene sequences of *Vibrio parahaemolyticus*.We sequenced 16S rRNA gene of 111 strains of *Vibrio parahaemolyticus* which were isolated from fresh aquatic products，and aligned with standard sequence in GenBank. We also established phylogenetic tree of sequences which had a great variation，and verified the variation regularity of the genes by ERIC-PCR.The variability of different *Vibrio parahaemolyticus* of 16S rRNA genes was discovered. The variation mainly centralized in variable region V1 and V2.

收稿日期：2014-09-27

基金项目：国家自然科学基金项目（31271870）；上海市科委部分地方院校能力建设项目（11310501100）；上海市科委科技创新行动计划项目（12391901300）；上海市科技兴农重点攻关项目（沪农科攻字 2014 第 3-5 号）；上海市科委工程中心建设项目（11DZ2280300）。

作者简介：冯 博（1989—），男，安徽蚌埠人，食品科学与工程博士研究生。E-mail：fengbo0509@126.com

***通信作者**：赵 勇（1975—），男，湖北黄冈人，工学博士，教授，博士研究生导师，主要从事食品安全方面的研究。E-mail: yzhao@shou.edu.cn

There were 38 base sites which similarity were less than 30% in the region of 50~270 bp,and 103 base sites which similarity ranged from 30% to 100%. In addition,there was one base which showed difference both at V3 and V8. The variability of different *Vibrio parahaemolyticus* of 16S rRNA genes can lay a foundation for the development of new targets for typing and tracing of Vibrio parahaemolyticus and for the study of micro-evolution.

Keywords: *Vibrio parahaemolyticus*,16S rRNA gene,ERIC-PCRcluster analysis,variation regularity analysis

副溶血性弧菌(*Vibiro parahaemolyticus*)是一种革兰氏阴性嗜盐菌,广泛分布于各种淡水、海水、河口等水生环境,是水产品中最主要的食源性致病菌之一,极易引起肠道疾病[1-2]。自从 1950 年在日本首次发现 *V. parahaemolyticus* 以来,世界各地尤其是沿海地区都出现过不同程度的疾病爆发,造成了极大的安全隐患。准确地对 *V. parahaemolyticus* 进行分离鉴定,无论对于预防和治疗疾病、控制病菌传播还是研究病菌致病机理都具有重要的意义。

16S rRNA 基因序列长约 1.5 kb,具有高度的保守性和特异性,常被用于原核微生物系统发育学方面的研究[3]。近年来随着 PCR 及相关基因工程技术的发展,16S rRNA 作为原核生物分类的重要分子标记,在细菌鉴定相关工作中起到重要作用[4-6]。然而 16S rRNA 基因区分细菌的能力仅限于种的水平[7],菌株之间的差异往往难以通过 16S rRNA 基因序列的分析做出判断。因此,我们试图通过分析同种不同株之间 *V. parahaemolyticus* 16S rRNA 基因序列的差异,找出可以用于株间差异分析的靶点。为此,对作者所在实验室近年来分离自生鲜水产品中的 111 株 *V. parahaemolyticus* 的 16S rRNA 基因进行了测序分析,通过比对序列分析基因的变异规律,并通过 ERIC-PCR 的方法对菌株间的差异进行了验证,为水产品中副溶血性弧菌风险评估分型溯源奠定研究基础。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

本研究所用的 *V. parahaemolyticus* O3:K6 购自中国科学院微生物研究所,其余 111 株由上海海洋大学农业部水产品贮藏保鲜质量安全风险评估实验室分离并保藏。

PCR 仪:德国 eppendorf 公司;电泳仪、凝胶成像系统:美国 Bio-rad 公司;Synergy 多功能酶标仪:美国 Biotek 公司;超净台、生物安全柜:荷兰 ESCO 公司;Elix/Rios 纯水系统:美国 Millipore 公司。

1.2 副溶血性弧菌的分离和鉴定

生鲜水产品河虾和南美白对虾(分别记为 a,b),于 2013 年 4~7 月采集自上海 3 个主要的水产市场(分别记为 A,B,C)。分别称取每个样品 25 g 至均质袋,加入 225 mL 碱性蛋白胨水(Alkaline Peptone Water,APW)培养液拍打 2 min,记为样品原液。吸取 1 mL 原液至 9 mL APW 中,依次 10 倍稀释 7 个梯度,每个梯度 3 个平行,37 ℃、170 r/min 摇床培养 18 h。每支试管挑取一环划线至科玛嘉弧菌显色培养基平板上,37 ℃倒置培养 24 h。每个平板挑取 3 个菌落划线至胰蛋白胨大豆琼脂培养基(Tryptic Soy Agar,TSA)平板,37 ℃倒置培养 24 h。每个 TSA 平板挑取 1 个单菌落至胰蛋白胨大豆肉汤培养基(Tryptic Soy Broth,TSB)试管中,37 ℃、170 r/min 摇床培养 12 h。吸取 2 mL 菌液提取细菌基因组 DNA 进行 *tdh*、*trh* 和 *tlh* 基因 PCR 鉴定。鉴定为阳性的 TSB 管吸取 1 mL 菌液,混入 1 mL 甘油冻入-80 ℃冰箱保存。

1.3 细菌基因组 DNA 的制备

实验用菌株使用前由-80 ℃冰箱中取出,室温解冻,用含 3% NaCl 的胰蛋白胨大豆肉汤(TSB)液体培养基活化两次,划线于 TCBS 琼脂培养基平板,37 ℃倒置培养至有单菌落形成。挑取单菌落至含 3% NaCl 的 TSB 液体培养基,180 r/min、37 ℃过夜培养。使用 TIANgen 细菌基因组提取试剂盒提取菌株基因组 DNA,经过琼脂糖凝胶电泳和酶标仪对获得基因组 DNA 进行简要的定性定量分析。

1.4 细菌 16S rRNA 基因的制备及系统发育分析

细菌 16S rRNA 基因扩增使用常用的 27F/1492R 引物对,反应条件为:95 ℃预变性 5 min,

95 ℃变性 30 s,59 ℃退火 30 s,72 ℃延伸 1 min,循环数为 25。扩增 PCR 产物纯化后交由上海生工生物工程有限公司测序。使用 Geneious 软件对所得序列进行拼接、比对工作。将测序结果提交到 GenBank 数据库中获得基因登录号,通过 BLAST 进行相关的序列搜索,获得相似基因的序列。用 MEGA v.5.0 软件建立系统发育树,进化距离采用 neighboor-joining 法,进化树分支的置信度采用 bootstrap 法,重复次数为 1 000。

1.5 细菌基因组 ERIC-PCR 分型

在对所测 111 株 *V. parahaemolyticus* 16S rRNA 基因序列分析的基础上,选取变异度较大的 8 株、保守性较好的 7 株 *V. parahaemolyticus* 以及 O3:K6 作为研究对象,对其基因组进行 ERIC-PCR 扩增,比较菌株之间的差异。ERIC-PCR 引物序列为 ERIC-F:ATGTAAGCTCCTGGGATTCAC; ERIC-R:AAGTAAGTGACTGGGGTGAGCG。ERIC -PCR ERIC-PCR 扩增所用引物由生工生物技术有限公司合成。PCR 反应条件为:95 ℃预变性 7 min,94 ℃变性 1 min,52 ℃退火 1 min,65 ℃延伸 8 min,循环数为 30。ERIC-PCR 扩增产物用 2 g/dL 琼脂糖凝胶进行检测,120 V、30 min,溴化乙锭染色 15 min,Bio-Rad 凝胶成像仪进行拍照,用 Image Lab 软件分析图谱。上述实验在相同条件下重复一次。电泳结果使用 Image lab 软件进行条带分析,同一位置条带阳性记为“1”,阴性记为“0”,NTSYS 2.10e 软件进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 16S rRNA 基因序列比对结果及分析

将实验室分离自生鲜水产品的 111 株 *V. parahaemolyticus* 的 16S rRNA 基因序列与 *V. parahaemolyticus* 标准菌株 RIMD2210633 strain O3:K6 的 16S rRNA 基因序列进行比对,结果显示在整个 16S rRNA 基因长 1 465 bp 的区域内,所有序列的相似度均在 97%以上,证明所有分离的菌株均为副溶血性弧菌。相似度较低的序列(97%~99%)为 :514 (Ab422)、516 (Ab533)、517 (Ab431)、518 (Ba221)、523 (Ba222)、556 (Bb331)、557(Ab523)、567(Bb413),见图 1。

观察序列比对结果可以发现,大部分序列差异主要集中在 16S 的 V1(69~99 bp)和 V2(137-242)区。由于序列间的差异较大,序列拼接结果中有多个空位存在,在 50~270 bp 的区域内,有 38 个位点的碱基的相似度<30%,103 个位点的碱基的相似度在 30%~100%之间。在 V3 区 519 bp 处 (对应 *V. parahaemolyticus* 16S rRNA 基因标准序列中 464 bp,下同)的碱基 85.7%为 G,22.3%为 A。V8 区 1 326 bp(1 266 bp)的碱基也有比较明显的差异,为 49.4%的序列在此的碱基为 A,其余 50.6%的序列在此为 G。另外,由于少数菌株的序列差异,在比对形成的保守序列中有多处空位的存在。其中比较有特点的除了上述 8 株(identity 低于 99%)在 V1 和 V2 区形成的多处空位之外,还有 531(Cb411)、615(Cb421)和 644(Bb311),由于它们在 V3 区的序列差异,分别在 522 bp(467 bp)和 535 bp(479 bp)处形成了 2 个明显的 gap。菌株 621(Aa311)在 987 bp (928 bp)和 992 bp(933 bp)处也有明显的两处空位。

目前在研究菌群结构多样性分析方面,多采用 PCR-DGGE 技术对其进行分析,大多数研究都是扩增 16S rRNA 的 V3 可变区进行 DGGE 指纹图谱分析[8-13]。近年来,也有关于比较扩增 16S rRNA 不同区域进行 DGGE 分析的报道[14]。根据我们的实验结果,在副溶血性弧菌的分型和多样性研究工作中,V1 和 V2 区比 V3 区具有更好的变异性,可能更适合 PCR-DGGE 的分型和多样性分析工作。

2.2 变异度较大菌株变异规律分析及其 ERIC-PCR 聚类分析

通过 16S 序列比对,编号为 514(Ab422)、516(Ab533)、517 (Ab431)、518 (Ba221)、523 (Ba222)、556(Bb331)、557(Ab523)、567(Bb413)的 8 株菌与包括 RIMD2210633 标准菌株在内的其他菌株具有较大差异。此 8 株副溶血性弧菌的相似度均在 97%-99%之间,而其他菌株的相似度均在 99%以上。另外,从菌株 16S rRNA 基因序列比对结果也能明显看出,此 8 株菌的 16S rRNA 基因序列在 V1 和 V2 区与其他序列具有较大差异。对此,我们通过建立系统发育树比较其序列的差异性。选取此 8 株菌和其他 7 株差异较小的菌株(相似度>99%)以及 O3:K6 标准菌株,基于这 16 株菌的 16S rRNA 基因序列建立系统发育树,见图 2。实验中所选取的差异较小的 7 株菌株编号分别为 :648 (Ab421)、623 (Ba532)、638 (Aa211)、651 (Bb621)、566 (Ab613)、564(Cb611)、513(Ca521)。由系统发育树可知,此 16



图 1　标准菌株 RIMD2210633 与 111 株 *V. parahaemolyticus* 16SrRNA 基因序列比对结果

Fig. 1　Alignment of 16S rRNA gene of V. parahaemolyticus RIMD2210633 and 111 strains of *V. parahaemolyticus* isolated from aquatic products

株菌均属于弧菌属,与它们亲缘关系较近的多数为副溶血性弧菌(*Vibrio parahaemolyticus*)和天蓝色弧菌(*Vibrio azureus*)。虽然在这 16 株菌虽然存在不同程度的序列变异,但是通过 16S rRNA 基因序列系统发育分析,它们仍可被归为弧菌属的菌种。

选取此 8 株菌和其他 7 株差异较小的菌株(相似度>99%)以及 O3:K6 标准菌株进行 ERIC-PCR 扩增。ERIC-PCR 经过一次重复,两次实验结果较为一致。ERIC-PCR 电泳结果条带清晰,大部分菌株的相似度系数在 0.9 以下,菌株间区分度较好,见图 3。结果表明,这些菌株在基因组的水平上也存在较大的差异,通过 ERIC-PCR 的方法也能较好的对这些菌株加以区分,也说明分离自不同样品中的副溶血性弧菌的 16S rRNA 基因序列存在相对较大程度的差异。另外,我们发现使用 ERIC-PCR 对全基因组进行聚类分析时,聚类结果和样品采集地、样品种类也存在一定的对应关系。若以相似性系数 0.75 为阈值,可将 16 株菌分为 4 大类,其中 E1 包含的 6 株菌种有 4 株分离自市场 B,4 株分离自南美白对虾样品;E2 包含的 8 株菌种有 5 株分离自市场 A,此 5 株菌均分离自南美白对虾样品。此规律有可能为菌株溯源工作提供一条新的思路。

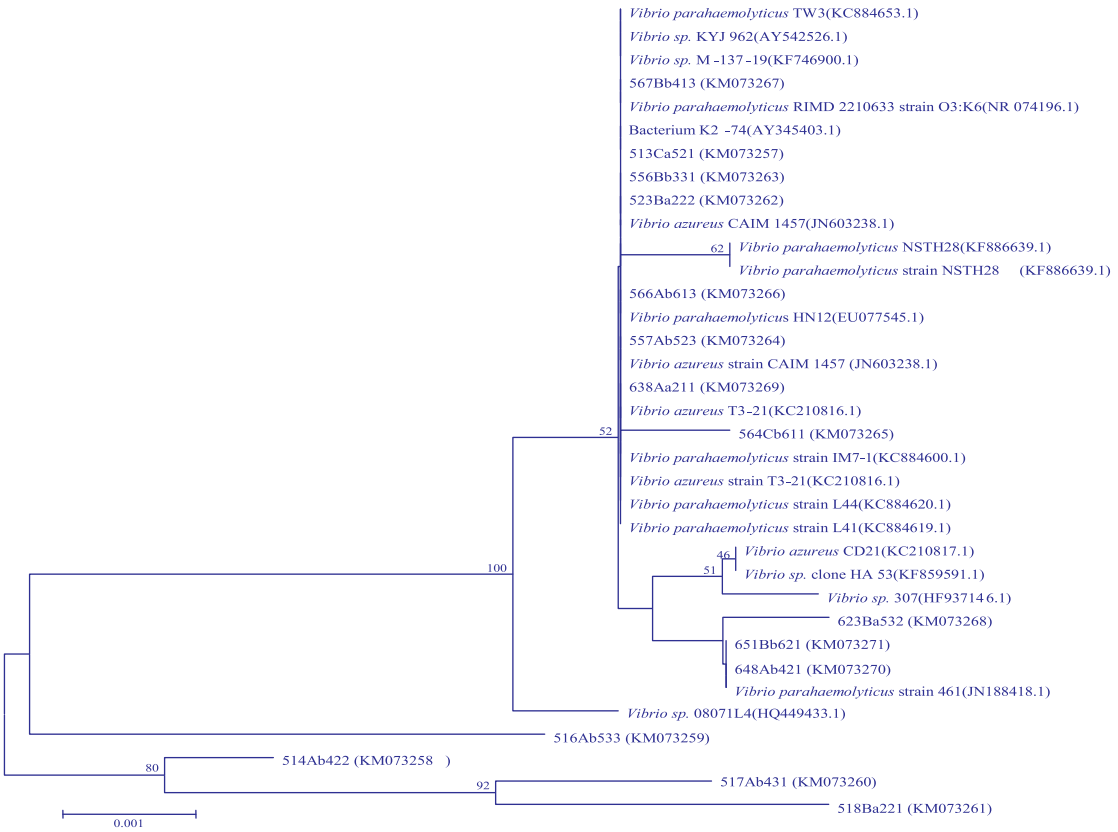


图 2　基于 16 株副溶血性弧菌 16S rRNA 的系统发育树

Fig. 2　Phylogenetic tree of 16 strains of *V. parahaemolyticus* and related bacterial species constructed according to 16S rRNA gene sequence

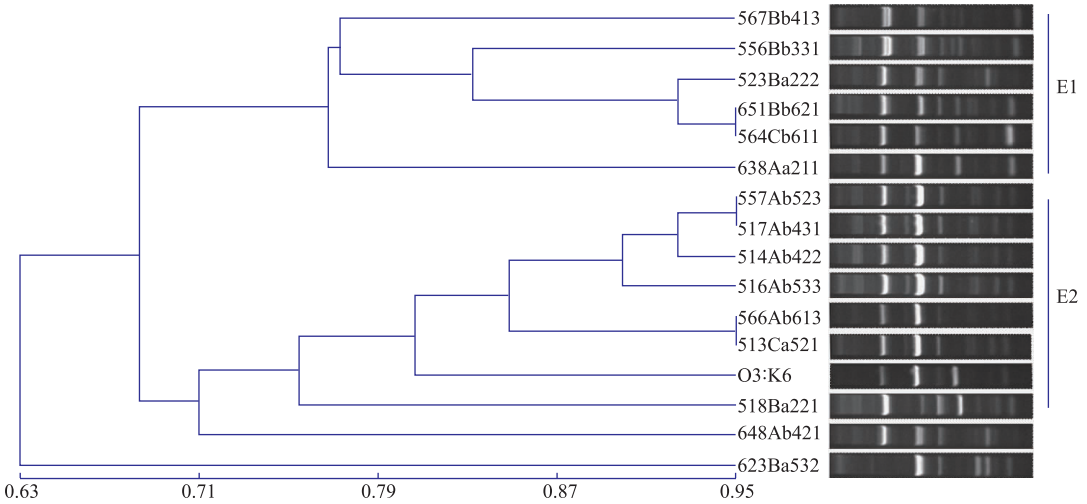


图 3　ERIC–PCR 指纹图谱及聚类分析树状图

Fig. 3　ERIC–PCR fingerprints and cluster analysis results

3 结　语

16S rRNA 基因序列常被用来鉴定细菌的种类[15-16]、推断细菌系统发育[17-18]和进化关系以及进行细菌群落多样性分析[19-20]等，但是目前很少有针对同种不同株细菌的 16S rRNA 进行变异规律分析的研究。因此，通过比较不同株 *V. parahaemolyticus* 16S rRNA 基因之间的差异，总结其变异规律，为副

溶血性弧菌菌株分型工作提供新的研究靶点。通过16s rRNA 基因序列比对,发现 *V. parahaemolyticus* 16S rRNA 基因序列的变异主要集中在 50~270 bp 的区域,也就是 16S rRNA 基因的 V1 和 V2 可变区,有将近一半的碱基位点相似度低于 50%。而其他区域的保守性相对较高,只有 V3 和 V8 区的两个碱基位点有相对明显的变异规律。综上所述,虽然同为副溶血性弧菌,不同株的 16S rRNA 基因序列仍具有一定的变异性,尤其在 V1 和 V2 区的序列具有较为明显的变异。在开发副溶血性弧菌菌株分型研究新靶点时,可以在 V1 和 V2 区的位点加以尝试。V1 和 V2 区的序列特征在涉及副溶血性弧菌 16S rRNA 基因序列的工作中,特别是讨论不同菌株之间的差异时具有重要的意义。

作者对分离自不同样品和采集地的大量的副溶血性弧菌进行了 16S rRNA 序列分析以及 ERIC-PCR 聚类分析,发现了 16S rRNA 基因变异规律,以及 ERIC-PCR 的聚类分析结果与样品采集地、样品种类的对应关系,或可为副溶血性弧菌的溯源及进化分析提供新的线索,为水产品中副溶血性弧菌风险评估分型溯源奠定研究基础。

参考文献:

[1] TAKEDA Y. Vibrio parahaemolyticus, enterotoxigenic *Escherichia coli*, enterohemorrhagic *Escherichia coli* and *Vibrio cholerae* [J]. **Proceedings of the Japan Academy Series B-Physical and Biological Sciences**, 2011, 87(1): 1-12.

[2] BROBERG C A, CALDER T J, ORTH K. *Vibrio parahaemolyticus* cell biology and pathogenicity determinants [J]. **Microbes and Infection**, 2011, 13(12-13): 992-1001.

[3] ANZAI Y, KIM H, PARK J Y, et al. Phylogenetic affiliation of the pseudomonads based on 16S rRNA sequence [J]. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, 2000, 50(4 Part 6): 1563-1589.

[4] CLIFFORD R J, MILILLO M, PRESTWOOD J, et al. Detection of bacterial 16S rRNA and identification of four clinically important bacteria by real-time PCR[J]. **Plos One**, 2012, 7(11): 229-235.

[5] LUTON P E, WAYNE J M, SHARP R J, et al. The mcrA gene as an alternative to 16S rRNA in the phylogenetic analysis of methanogen populations in landfill[J]. **Microbiology-Sgm**, 2002, 148: 3521-3530.

[6] YARZA P, RICHTER M, PEPLIES J, et al. The all-species living tree project: A 16S rRNA-based phylogenetic tree of all sequenced type strains[J]. **Systematic and Applied Microbiology**, 2008, 31(4): 241-250.

[7] 翁仕强,赵勇,潘迎捷,等. 基于特异性基因的副溶血性弧菌快速分离鉴定[J]. 食品与生物技术学报,2011,30(3):417-421.
WENG Shiqiang, ZHAO Yong, PAN Yingjie, et al. Rapid isolation and identification method based on specific gene for *Vibrio parahaemolyticus*[J]. **Journal of Food Science and Biotechnology**, 2011, 30(3): 417-421.(in Chinese)

[8] MUYZER G, de Waal EC, Uitterlinden A G. Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes coding for 16S rRNA [J]. **Applied and Environmental Microbiology**, 1993, 59(3): 695-700.

[9] LIU W, REN P, HE S, et al. Comparison of adhesive gut bacteria composition, immunity, and disease resistance in juvenile hybrid tilapia fed two different *Lactobacillus* strains[J]. **Fish & Shellfish Immunology**, 2013, 35(1): 54-62.

[10] ZWIELEHNER J, LASSL C, HIPPE B, et al. Changes in human fecal microbiota due to chemotherapy analyzed by TaqMan-PCR, 454 Sequencing and PCR-DGGE fingerprinting[J]. **Plos One**, 2011, 6(12): 196-203.

[11] 丁俊荣,张秋香,刘小鸣,等. 江苏无锡健康与肠病人群肠道脱硫弧菌数量及肠道菌群多样性[J]. 微生物学报,2012,52(8):1033-1039.
DING Junrong, ZHANG Qiuxiang, LIU Xiaoming, et al. Quantity of desulfovibrios and analysis of intestinal microbiota diversity in health and intestinal disease people in Wuxi, Jiangsu province[J]. **Acta Microbiologica Sinica**, 2012, 52(8): 1033-1039.(in Chinese)

[12] 苏勇,谢飞,朱伟云. 健康与腹泻仔猪粪样中挥发性脂肪酸和菌群区系的比较[J]. 微生物学报,2011,51(12):1632-1638.
SU Yong, XIE Fei, ZHU Weiyun. Comparison of concentration of volatile fatty acid and microbiota in faeces between healthy and diarrhoeal piglets[J]. **Acta Microbiologica Sinica**, 2011, 51(12): 1632-1638.(in Chinese)

[13] 刘近,邓代永,孙国萍,等. 硝酸盐对沉积物中有机物氧化减量及微生物群落结构的影响[J]. 环境科学,2013,34(7):2847-2854.
LIU Jin, DENG Daiyong, SUN Guoping, et al. Effects of nitrate on organic removal microbial community structrure in the

sediments[J]. **Environmental Science**,2013,34(7):2847-2854.(in Chinese)

[14] YU Z T,MORRISON M. Comparisons of different hypervariable regions of rrs genes for use in fingerprinting of microbial communities by PCR-denaturing gradient gel electrophoresis [J]. **Applied and Environmental Microbiology**,2004,70(8):4800-4806.

[15] 许玉玲,王建丽,张爱梅,等. 肠道致病菌 16S rRNA 基因的快速检测和鉴定[J]. 现代预防医学,38(17):3528-3529,3532.
XU Yulin,WANG Jianli,ZHANG Aimei,et al. Rapid detection and identification on 16S rRNA gene of enteropathogenic bacteria[J]. **Modern Preventive Medicine**,38(17):3528-3529,3532.(in Chinese)

[16] 龙雯,陈存社. 16S rRNA 测序在细菌鉴定中的应用[J]. 北京工商大学学报,2006,24(5):10-12.
LONG Wen,CHEN Cunshe. Application of 16S rRNA sequence in bacteria indication[J]. **Journal of Technology and Business Universtiy**,2006,24(5):10-12.(in Chinese)

[17] COENYE T,VANDAMME P. Intragenomic heterogeneity between multiple 16S ribosomal RNA operons in sequenced bacterial genomes[J]. **Fems Microbiology Letters**,2003,228(1):45-49.

[18] CHAKRAVORTY S,HELB D,BURDAY M,et al. A detailed analysis of 16S ribosomal RNA gene segments for the diagnosis of pathogenic bacteria[J]. **Journal of Microbiological Methods**,2007,69(2):330-339.

[19] 刘玮琦, 茆振川, 杨宇红, 等. 应用 16S rRNA 基因文库技术分析土壤细菌群落的多样性 [J]. 微生物学报,2008,48(10):1344-1350.
LIU Weiqi,MAO Zhenchuan,YANG Yuhong,et al. Analysis of soil bacterial diversity by using the 16S rRNA gene library[J]. **Acta Microbiologica Sinica**,2008,48(10):1344-1350.(in Chinese)

[20] 周琳,张杰. 群落分析中的 16S rRNA 及其基因 16S rDNA 优化扩增[J]. 微生物学报,2010,50(1):7-14.
ZHOU Lin,ZHANG Jie. 16S rRNA gene in community structure analysis and the optimized amplification-A review [J]. **Acta Microbiologica Sinica**,2010,50(1):7-14.(in Chinese)

会 议 信 息

会议名称(中文):第十三届全国生物无机化学学术会议

所属学科:无机化学,化学生物学,生物物理学、生物化学及分子生物学

开始日期:2016-10-13　　结束日期:2016-10-16

所在城市:上海市　黄浦区

主办单位:中国化学会、国家自然科学基金委

协办单位:

承办单位:上海师范大学

全文截稿日期:2016-08-15

联系人:杨红、周治国、田启威、安璐

联系电话:021 64322343、64328981

E-MAIL:cbic2016@163.com

会议网站:http://www.chemsoc.org.cn/news/?hid=1720

会议背景介绍:由中国化学会和国家自然科学基金委主办、上海师范大学承办的"中国化学会第十三届全国生物无机化学学术会议"拟定于 2016 年 10 月 13-16 日在上海市召开。会议主题为"化学与健康",以学术交流为平台,通过大会报告、邀请报告、口头报告和墙报展讲等形式,充分展示和回顾近两年来我国生物无机化学及相关研究领域取得的新方法和新成果,加强生物无机化学及相关领域的学术交流,讨论生物无机化学未来发展的新思路、新领域和新趋势,促进各方面的合作和创新。内容涵盖金属酶模拟和性质研究、金属(离子)在生命体的作用、纳米材料的生物作用等各个方面。热忱欢迎广大化学工作者积极参加,踊跃投稿。同时,欢迎相关企业、高校、科研院所积极参与会展。